Crítica matemática del darwinismo: de la ecuación de Price a la teoría de grupos

Autor: Ernesto Mascarell Perez
Afilación: Investigador independiente
Correspondencia: mascarell1960@hotmail.com

Resumen
La matematización del darwinismo, a través de la genética de poblaciones y la ecuación de Price, ha pretendido dotar a la selección natural de precisión predictiva. Sin embargo, estos modelos adolecen de limitaciones fundamentales que reflejan los sesgos conceptuales del paradigma neodarwinista. Este artículo examina críticamente tres dimensiones de la modelización matemática en evolución: (1) la ecuación de Price y la falacia de la aptitud individual; (2) la teoría de grupos y la necesidad de considerar simetrías estructurales en sistemas biológicos; (3) el reloj molecular y las contradicciones internas de la teoría neutralista. Se argumenta que la evolución requiere una matemática pluralista, basada en sistemas dinámicos no lineales y teoría de redes, que sea capaz de representar procesos como la simbiogénesis, la herencia epigenética y la emergencia de novedad.

Palabras clave: ecuación de Price, teoría de grupos, reloj molecular, sistemas complejos, modelización evolutiva.

---

1. Introducción

La formalización matemática de la evolución darwiniana fue uno de los grandes logros de la Síntesis Moderna. Figuras como Ronald Fisher, J.B.S. Haldane y Sewall Wright desarrollaron herramientas que permitían describir el cambio en las frecuencias alélicas bajo selección natural. Más tarde, George Price (1970) formuló una ecuación que se ha convertido en un pilar de la biología evolutiva teórica: la ecuación de Price.

Sin embargo, la pretensión de que estos modelos capturan la totalidad de los procesos evolutivos ha sido objeto de críticas. Este artículo examina las limitaciones de la modelización matemática neodarwinista y explora alternativas que incorporan la complejidad de los sistemas biológicos.

2. La ecuación de Price y la falacia de la aptitud individual

La ecuación de Price (1970) expresa el cambio en el valor promedio de una característica entre dos generaciones como:

$\Delta\bar{z}$ = Cov(*w*, *z*) / $\bar{w}$ + E(*w* Δ*z*) / $\bar{w}$

donde el primer término representa el efecto de la selección natural y el segundo los cambios en la transmisión (mutación, deriva, etc.). Esta formulación presupone que la aptitud (*w*) puede asignarse a individuos y que la herencia es predominantemente vertical.

Sin embargo, la biología contemporánea muestra que:

- La aptitud es una propiedad **relacional**, no individual. En sistemas simbióticos, la aptitud de un organismo no puede definirse independientemente de la de sus simbiontes.
- La herencia es **multidimensional**: genética, epigenética, conductual y simbólica (Jablonka & Lamb, 2005).
- La selección actúa sobre múltiples niveles (genes, organismos, grupos, ecosistemas), y la ecuación de Price no especifica el nivel relevante.

La ecuación de Price es formalmente correcta, pero su aplicación requiere decisiones conceptuales sobre qué se considera "individuo" y qué se cuenta como "herencia". Cuando estas decisiones no son explícitas, la ecuación puede ocultar más de lo que revela.

3. Teoría de grupos y simetrías biológicas

La teoría de grupos, el estudio matemático de las simetrías, proporciona herramientas para analizar sistemas biológicos donde las propiedades no son reducibles a las de sus partes. Un ejemplo paradigmático es la cápside icosaédrica de los virus, cuyo grupo de simetría (orden 60) no puede explicarse por la suma de propiedades de las proteínas individuales.

En sistemas con simetrías no triviales, la aptitud no puede definirse para partes aisladas. La selección actúa sobre **órbitas de grupos de simetría**, no sobre individuos independientes. La teoría de grupos revela que muchas propiedades biológicas son invariantes bajo transformaciones, y que la competencia individual puede ser incompatible con la estabilidad estructural del sistema (Kauffman, 1995).

Aplicaciones recientes de la teoría de grupos en biología incluyen:

- **Virus**: simetrías de cápsides y su evolución.

- **Morfogénesis**: formación de patrones mediante rupturas de simetría.
- **Redes ecológicas**: automorfismos que revelan equivalencia estructural entre especies.

4. El reloj molecular y sus contradicciones

El reloj molecular —la idea de que las mutaciones se acumulan a ritmo constante— es un pilar del neodarwinismo y de la filogenética molecular. La teoría neutralista de Kimura (1983) explica este fenómeno postulando que la mayoría de las mutaciones son neutras y se fijan por deriva.

Sin embargo, la evidencia empírica ha revelado que la tasa de mutación no es constante y que la equidistancia genética (supuesto de que la distancia entre especies es proporcional al tiempo de separación) no ha sido validada. Debates recientes en la plataforma ChinaXiv han señalado contradicciones internas: la teoría neutralista depende del reloj molecular, que a su vez depende de la equidistancia genética, cuyo límite superior no ha sido demostrado (ChinaXiv, 2024-2025).

Estas contradicciones sugieren que el reloj molecular no es una ley natural, sino una aproximación que puede fallar en escalas evolutivas relevantes.

5. Sistemas dinámicos no lineales y emergencia

La evolución es un proceso no lineal, con retroalimentaciones, bifurcaciones y emergencia de novedad que no pueden predecirse a partir de ecuaciones de equilibrio. La teoría de sistemas dinámicos y la teoría de la complejidad ofrecen herramientas alternativas:

- **Paisajes adaptativos**: la metáfora de Wright de picos y valles es una simplificación; la dinámica real puede implicar redes de genotipos isofitness y evolución neutra (Crutchfield, 2002).
- **Redes booleanas**: los sistemas genéticos pueden modelarse como redes de interacciones que exhiben ciclos atractores y auto-organización.
- **Modelos basados en agentes**: permiten simular interacciones locales, herencia horizontal y cooperación.

6. Hacia una matemática pluralista

Una matemática adecuada para la evolución debe:

- Abandonar el supuesto de que la aptitud es una propiedad individual.

- Incorporar herramientas de teoría de grupos para analizar simetrías estructurales.
- Reconocer la multidimensionalidad de la herencia.
- Utilizar sistemas dinámicos no lineales para modelar bifurcaciones y emergencia.
- Integrar la transferencia horizontal de genes y la simbiogénesis.

Esto no implica abandonar la matematización, sino ampliarla para que refleje la complejidad de los sistemas biológicos.

7. Conclusiones

La crítica matemática del darwinismo no es un rechazo a la modelización, sino a la pretensión de que unos pocos modelos lineales puedan capturar la totalidad de los procesos evolutivos. La ecuación de Price, la teoría de grupos, el reloj molecular y los sistemas dinámicos ofrecen herramientas valiosas, pero cada una tiene un dominio de aplicación limitado.

Una biología evolutiva matemáticamente rigurosa debe ser pluralista, abierta a la emergencia y consciente de que la precisión formal no equivale a la verdad ontológica. La evolución es un proceso histórico, contingente y no lineal, y su modelización debe reflejar esa complejidad.

Referencias

- ChinaXiv. (2024-2025). Debates sobre equidistancia genética y reloj molecular. Academia China de las Ciencias.
- Crutchfield, J. P. (2002). When Evolution is Revolution. *Proceedings of the 8th International Conference on Artificial Life*.
- Jablonka, E., & Lamb, M. J. (2005). *Evolution in Four Dimensions*. MIT Press.
- Kauffman, S. A. (1995). *At Home in the Universe*. Oxford University Press.
- Kimura, M. (1983). *The Neutral Theory of Molecular Evolution*. Cambridge University Press.
- Price, G. R. (1970). Selection and covariance. *Nature*, 227, 520-521.
- Shapiro, J. A. (2011). *Evolution: A View from the 21st Century*. FT Press.